Por qué creo en la Creación

Sean D. Pitman

El comprender la diferencia entre micro y macro evolución nos ayuda a entender la realidad de la Creación.

¿Es real Dios? ¿Merece confianza la Biblia? ¿Cómo entender el relato del Génesis? ¿Creó Dios el mundo y sus criaturas en una semana literal? ¿Sucedió eso sólo hace unos 10.000 años? ¿Cómo pueden esos relatos ser veraces cuando tantas mentes brillantes proponen algo muy diferente?

Preguntas de niño

Yo me hacía preguntas como esas desde cuando era un niño. Mis padres hicieron lo mejor que pudieron para contestarlas. Y por bastante tiempo, acepté sus explicaciones. Pero llegó un momento cuando simplemente no pudieron contestarme a satisfacción mía.

Recuerdo que en quinto o sexto grado comencé a pensar que en el mundo natural ocurren pequeños cambios con el paso del tiempo. Si cultivar un rosal introduciendo gradualmente cambios lleva a un rosal que produce rosas violetas o incluso negras, ¿por qué no puede ser cierta la evolución tal como la plantean los naturalistas?

Le pregunté a mi padre y él me dijo que la "microevolución" puede ocurrir, cambiando el color de una rosa o el aspecto de un perro. En cambio la "macroevolución", que consistiría por ejemplo en convertir un cerdo en una vaca, o un perro en un gato, no puede suceder. Le pregunté por qué no, si el proceso duraba mucho, mucho tiempo. Nadie, ni siquiera mi padre, parecía ser capaz de explicármelo.

Hice las mismas preguntas en la secundaria y en la facultad de medicina. Básicamente se me dieron las mismas respuestas una y otra vez. Finalmente, tras terminar la carrera de medicina decidí un día que buscaría respuestas por mí mismo para ver si lo que leía en la Biblia tenía sentido a la luz de la –aparentemente razonable— teoría de la evolución.

Cambiar sin cambios verdaderos

Tras algunos años de seria investigación empecé a entender que los organismos pueden cambiar sin cambiar de veras. Aunque lo sabía, nunca lo había vinculado con las nociones de "macro" o "micro" evolución. Un monje famoso, llamado Gregor Mendel (1822-1884), contemporáneo de Charles Darwin (1809-1882), descubrió algo notable mientras estudiaba plantas de arvejas o guisantes.[1] Por desgracia, el descubrimiento de Mendel permaneció casi desconocido hasta después de que se popularizó la teoría de la evolución de Darwin.

Creo que hasta Darwin se habría sorprendido al enterarse de que gran parte de sus famosos ejemplos de evolución en acción son sólo el resultado de variación mendeliana. ¿Y qué decir de todos esos picos de pinzones de los que escribió Darwin, que cambian levemente de tamaño según el clima predominante? Bueno, en realidad no resultaron en nada realmente "nuevo" en las generaciones sucesivas. En otras palabras, los picos variaron de tamaño sin que entrara ninguna nueva información en el reservorio genético. El reservorio de opciones siguió siendo exactamente el mismo. Todas las opciones para las diferentes formas de pico estaban ya allí de antemano, preprogramadas, por así decirlo. Lo mismo ocurre con muchas de las diferencias más significativas entre razas de perros, gatos, gallinas, vacas, peces, etc. Todo organismo que usa reproducción sexual tiene la capacidad de cambiar ciertas manifestaciones del reservorio genético de ese "tipo" de organismo, sin que el reservorio genético en sí mismo cambie. Así que, una vez que supe que el cambio puede ocurrir sin que haya verdadero cambio en los organismos, empecé a pensar qué haría falta para que el reservorio genético subyacente cambiara de veras.

Cambios verdaderamente novedosos

El reservorio genético es básicamente un libro de códigos para muchos tipos distintos de sistemas funcionales que contribuyen a la formación de un organismo vivo. Si el deletreo de una de las "palabras" en el libro de códigos genéticos cambia, entonces la función de ese código particular o "palabra" puede cambiar también, o incluso desaparecer. Estos cambios funcionales son lo que llamaría "verdadera evolución". Y ocurren todo el tiempo. La evolución es un hecho. Pero no es el tipo de hecho que la mayoría de los científicos de hoy piensan que es.

Fíjate en la siguiente serie de palabras: de gato a pato a paro a pero a perro. Se trata de una serie evolutiva. Cambiando una letra por vez pudimos hacer "evolucionar" un gato hasta llegar a un perro, siguiendo un proceso en el que cada paso tenía sentido y era potencialmente beneficioso en el sistema del idioma español. ¿Fácil, no? Pero, ¿por qué es tan fácil esto?

Lo que ocurre es que cada sistema idiomático en el mundo tiene una mayor concentración de palabras definidas o significativas cuando la serie es corta, en comparación con palabras, frases, oraciones, párrafos, etc. Por ejemplo, el inglés tiene unas 676 series posibles de dos letras. De estas, unas 100 son definibles como significativas. Ahora bien, entre las palabras de tres letras, hay tres veces más palabras con sentido (unas 980), pero la cantidad de series potenciales de tres letras es 26 veces mayor (17.576), así que la proporción de palabras con sentido a series sin sentido cae a una en 18. La proporción para series de siete letras cae estrepitosamente a una palabra o frase con sentido por cada 250.000 series.

El esquema es obvio y es esencialmente el mismo para todo lenguaje. Con cada incremento en el largo mínimo de un mensaje en clave en cualquier sistema de lenguaje, incluyendo los lenguajes de computación y los idiomas, el aislamiento del mensaje respecto de otros mensajes potencialmente significativos o

beneficiosos crece en forma exponencial.

Entonces, ¿qué pasa cuando las fuerzas evolutivas ciegas tratan de alcanzar un nivel más alto de complejidad funcional? ¿Qué ocurre cuando una serie de códigos se sale de su isla de beneficiosidad y pasa al océano de series sin sentido?

Un proceso ciego

El problema es que la selección natural se supone que es la fuerza que guía el cambio evolutivo. Y sin embargo la selección natural, que es una fuerza muy real, sólo puede ver los cambios en el deletreo que resultan en cambios con sentido en la serie de códigos. La naturaleza no puede ver los cambios de deletreo en sí mismos, las mutaciones mismas. Sólo puede reconocer las diferencias en función que pueden resultar o no resultar viables.

Por ejemplo, ¿qué diferencia real habría entre "curipiquicu" y "curipiquico"? Ambas son series igualmente sin sentido. Por lo tanto, cambiar de una clave a la otra no sería detectable por un sistema de selección como la selección natural. ¿Pero qué decir de la diferencia, muy significativa, entre "vocación" y "vacación"? Sólo las distingue una letra, pero significan cosas muy diferentes. Un sistema de selección basado en la función podría ser capaz de hacer selección muy fácilmente entre estas dos series. ¿No es así? Ahora, ¿y si vamos de "vacación" a "vucación"? Este cambio también sería detectable porque el sentido de "vacación" se pierde cuando se muta a "vucación". Esta pérdida de sentido puede ser seleccionable ya sea como beneficiosa o perjudicial.

Notemos, sin embargo, que destruir es siempre más fácil que crear algo nuevo, porque hay tantas maneras de destruir y tan pocas, comparativamente, de crear. Por ejemplo, hay muchas maneras de arruinar la palabra vacación, volviéndola incomprensible, pero relativamente pocas de encontrar una serie significativa del mismo largo. Por lógica, entonces, sería relativamente fácil para un reservorio genético deshacerse de una función preestablecida, pero relativamente difícil que obtuviera un nuevo tipo de función.

Ejemplos de evolución en la vida real

Este razonamiento parece aceptable en teoría, pero ¿es válido en la vida real? He estudiado en detalle el proceso y parece que la evolución funciona más o menos como lo describí más arriba para series del lenguaje. Es capaz de "micro" cambios, pero no de "macro" cambios por aquello que llamo "el problema de la distancia neutra". En niveles muy bajos de complejidad informativa, la evolución funciona bien. Sin embargo, a medida que comenzamos a subir en la escala de complejidad informativa, la evolución empieza a atascarse de modo exponencial. De modo que, para funciones que requieren un mínimo mayor que unos pocos cientos de caracteres bien especificados, la evolución simplemente no puede funcionar hasta que pasen muchos trillones y trillones de años de tiempo promedio. Simplemente vagabundea sin rumbo ni meta por siempre en esos niveles de complejidad.

Por ejemplo, examinemos la resistencia a los antibióticos, un famoso ejemplo de evolución en acción. Las mutaciones funcionales en el reservorio genético subyacente son las verdaderas responsables de la resistencia de las bacterias a los efectos de tal o cual antibiótico. Esto es evolución de veras a mi manera de ver las cosas.

Por supuesto, muchas formas de resistencia a los antibióticos ocurren en los niveles más bajos de complejidad funcional. De hecho, la mayor parte de la resistencia a antibióticos resulta de la perturbación de una interacción preestablecida entre el antibiótico con un blanco específico dentro de la bacteria. Todo lo que tiene que cambiar es una "letra" o dos en la serie a la que se apunta para que el antibiótico ya no pueda dar en el blanco. *Voilá,* ahí está la función de resistencia al antibiótico evolucionada. Es rápida y fácil en la vida real porque hay tantas maneras de arruinar la interacción entre un antibiótico y su objetivo. Esa es la razón por la cual la evolución antibiótica es hoy un problema tan serio en los hospitales. Sucede tan rápido y con facilidad en casi cualquier población de bacterias a la que se le presenta casi cualquier tipo de antibiótico.[2]

Pero, ¿qué pasa cuando nos movemos a un nivel más complejo? ¿Qué ocurre cuando tratamos de hacer evolucionar una función novedosa que no está basada en la destrucción de una función o interacción ya establecida? Es interesante notar que hay varios ejemplos de este tipo de evolución en la vida real. Algunos de estos ejemplos conllevan la evolución de nuevas series de proteínas con funciones proteínicas verdaderamente novedosas. Estas proteínas están hechas de cadenas de "aminoácidos residuales" que se comportan bien como las series de letras en los sistemas de lenguajes humanos. Series y formas diferentes se traducen en funciones diferentes, como en cualquier sistema de lenguaje. Pero, también como en cualquier sistema de lenguaje, no toda serie o forma

¡Diálogo para ti, gratis!

Si eres un estudiante adventista en una universidad no adventista, la iglesia tiene un plan que te permitirá recibir la revista *Diálogo* gratis mientras mantengas tu condición de estudiante. (Aquellos que ya no son estudiantes pueden suscribirse a *Diálogo* utilizando el cupón de la página 6.) Ponte en contacto con el director del Departamento de Educación o del Departamento de Jóvenes de tu Unión y pide que te incluyan entre los que reciben la revista. Proporciónale tu nombre completo, tu dirección, el nombre de la universidad a la cual asistes, la carrera que estás cursando y el nombre de la iglesia local de la cual eres miembro. Puedes escribir también a nuestro representante regional a la dirección provista en la página 2, incluyendo una copia de la carta a los directores de la Unión mencionados. Si no logras comunicarte con nosotros por estos medios, usa la siguiente dirección: ssicalo@yahoo.com

potencial es significativa, ni mucho menos beneficiosa. Sin embargo, para funciones que requieren solamente series proteínicas cortas, la densidad de series potencialmente beneficiosas dentro del espacio de las series es lo suficientemente alta (como vimos más arriba para las palabras de tres letras) como para que la evolución pueda ocurrir, y ocurre realmente en este nivel de complejidad funcional en un tiempo relativamente breve si se dan las condiciones apropiadas.

Se puede encontrar un ejemplo llamativo de evolución proteínica en la obra de Barry Hall con las bacterias *E. coli.* Lo que hizo Hall fue borrar las claves genéticas, o "genes", que producen una enzima de lactasa en E. coli. Esta enzima digiere el azúcar lactosa desdoblándolo en los azúcares glucosa y galactosa, que se usan para producir energía en la bacteria. Hall lo hizo para averiguar si estas bacterias mutantes eran capaces de hacer evolucionar un nuevo gen que produjera una nueva enzima lactasa para reemplazar a la que habían perdido en un ambiente rico en lactosa. Y por cierto, las bacterias rápidamente hicieron surgir por evolución un nuevo tipo de enzima que no tenía la función lactasa previamente. De algún modo, resultó ser una mutación a sólo un punto de distancia de la clave funcional de la lactosa en el espacio de las claves.[3]

¡Asombroso! Pero claro, ahí es donde terminan la mayoría de las descripciones de los experimentos de Hall, como la que apareció en el libro, muy popular, de K. Miller, *Finding Darwin's God.*[4] Sin embargo, lo que ocurrió a continuación es lo más interesante. Hall borró también el nuevo gen evolucionado para ver si surgía por evolución un nuevo gen… ¡y no ocurrió nada! A pesar de decenas de miles de generaciones bajo observación, estas desafortunadas bacterias doblemente mutantes nunca pudieron hacer surgir por evolución una serie que contuviera la muy beneficiosa función lactosa. Frustrado, Hall describió estas bacterias doblemente mutantes como "muy limitadas en potencial evolutivo". Entonces, ¿qué es lo que "limitó" el "potencial evolutivo" de las bacterias de Hall?

Lo que ocurre es que la longitud mínima de la serie necesaria para la enzima lactasa más básica es aparentemente de unos 400 aminoácidos residuales. Con 20 opciones residuales diferentes, el número total de series potenciales es un muy astronómico 20 elevado a la potencia 400. Por cierto, puede haber un buen número de series de lactasa utilizables dentro de este enorme espacio de series, pero sin duda la gran mayoría de estas series no son lactasas utilizables o de otro modo las bacterias mutantes de Hall las habrían encontrado muy pronto vagabundeando al azar. El hecho de que las bacterias doblemente mutantes de Hall no las encontraron es evidencia de que la proporción de lactasas a no-lactasas en el espacio mínimo de series, a este nivel de complejidad funcional, es bastante baja. La naturaleza simplemente no pudo encontrar su camino entre todas las series chatarra con la suficiente rapidez como para hallar otra serie lactasa aún después de un tiempo equivalente a decenas de miles de generaciones.

Los límites del potencial evolutivo

Más allá de este nivel de complejidad, nada evoluciona. Sencillamente no existe ningún ejemplo de la vida real de una función novedosa en evolución que requiera más de unas mil "piezas" de aminoácidos que actúen juntos en un orden más o menos especificado. Y sin embargo, hay muchos sistemas de función, aun en formas de vida supuestamente "simples", como las bacterias, que no pueden funcionar sin un número mínimo especificado de espacio genético. Tomemos como ejemplo la motilidad bacterial. El sistema flagelar de motilidad requiere por lo menos 10.000 aminoácidos residuales bastante bien especificados, actuando en orden más o menos específico, o de lo contrario la motilidad flagelar simplemente deja de funcionar.[5] Tal función de alto nivel nunca apareció evolucionando en el laboratorio ni en ninguna otra parte.

La firma de Dios

Resumiendo, la microevolución sucede en realidad, pero la macroevolución no. La razón parece muy simple; elemental, diría Sherlock Holmes. Pero cuando se comprende esta diferencia, ¡cómo fortalece nuestra fe en Dios el Creador, cuya firma y cuyo continuo interés en sus criaturas aparecen escritos dentro de nuestro maravilloso organismo y en donde miremos en el mundo que nos rodea! Por supuesto, encontré muchas otras evidencias abrumadoras para creer en Dios y en su Palabra, la Biblia, pero ésta ha sido ciertamente una de las que más me ha impresionado como investigador.

Sean Pitman (M.D., Loma Linda University School of Medicine) es patólogo e investigador en el programa de hematología del Centro Médico City of Hope. El lector interesado en temas relacionados con la teoría de la evolución y el diseño inteligente puede consultar su página web: www.DetectingDesign.com. Email: Seanpit@gmail.com.

REFERENCIAS

1. Gregor Mendel, *Experiments in Plant Hybridization,* 1865.
2. Sean Pitman, "Antibiotic Resistance," (http://www.detectingdesign.com/antibioticresistance.html) Diciembre, 2004.
3. Barry G. Hall, "Evolution on a petri dish: The evolved b-galactosidase system as a model for studying acquisitive evolution in the laboratory", *Evolutionary Biology* 15 (1982):85-150.
4. Kenneth Miller, *Finding Darwin's God* (New York: Harper Collins, 1999).
5. BLAST Search: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST

***Diálogo* en la red**

Ahora puedes leer los mejores artículos y entrevistas que te perdiste en números anteriores de *Diálogo.*

Visítanos en nuestro sitio en la red:

http://dialogue.adventist.org